



RECEIVED

JUN 15 2001

TECH CENTER 1600/2900

PATENT

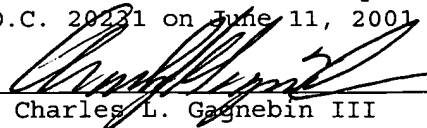
IN THE UNITED STATES PATENT AND TRADEMARK OFFICE

In re application : Walter Schubert
Application No. : 09/808,225
Filed : March 14, 2001
For : PROCESS FOR IDENTIFYING AND ENRICHING
CELL-SPECIFIC TARGET STRUCTURES
Attorney's Docket : HSS-016XX

Group Art Unit: 1645

I hereby certify that this correspondence is being deposited with the United States Postal Service as first class mail in an envelope addressed to: Commissioner for Patents, Washington, D.C. 20231 on June 11, 2001.

By


Charles L. Gagnebin III
Registration No. 25,467
Attorney for Applicant

PRIORITY CLAIM UNDER RULE 55

Commissioner for Patents
Washington, D.C. 20231

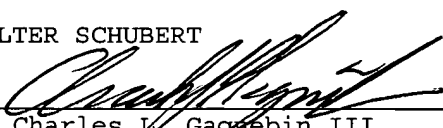
Sir:

The benefit of the filing date in Germany of a patent application corresponding to the above-identified application is hereby claimed under Rule 55 and 35 U.S.C. 119 in accordance with the Paris Convention for the Protection of Industrial Property. This benefit is claimed based upon a corresponding German patent application bearing serial no. 100 14 708.9 filed March 24, 2000, a certified copy of which is attached hereto.

Respectfully submitted,

WALTER SCHUBERT

By


Charles L. Gagnebin III
Registration No. 25,467
Attorney for Applicant

WEINGARTEN, SCHURGIN,
GAGNEBIN & HAYES LLP
Ten Post Office Square
Boston, Massachusetts 02109
Telephone: (617) 542-2290
Telecopier: (617) 451-0313

CLG/jde/251953
Enclosure

- 1 -

5

**Verfahren zur Identifizierung und Anreicherung
von zellspezifischen Zielstrukturen**

10

BESCHREIBUNG:

15 Die vorliegenden Erfindung betrifft ein Verfahren zu Identifizierung und Anreicherung von zellspezifischen Zielstrukturen, insbesondere zur Identifikation zellspezifischer Protein-

20 kombinationsmuster auf der Oberfläche von Zellen und zur Anreicherung dieser Zellen.

Die Identifizierung zellspezifischer Zielstrukturen ist von zentraler Bedeutung bei der

20 Aufklärung von Zell-Zell-Interaktionen, die unzählige Wirkungen innerhalb eines Organismus nach sich ziehen können. Insbesondere die Kenntnis krankheitsspezifische Zielstrukturen ist eine entscheidende Voraussetzung für die Entwicklung wirksamer und gleichzeitig nebenwirkungs-

30 armer Arzneimittel.

25 Es ist bekannt, daß Immunzellen (Lymphozyten) spezifische Kombinationen von Proteinen, auch Proteinkombinationsmuster bzw. kurz PKM genannt, exprimieren, die für eine Bindung an Endothelzellen der Blutgefäße von Gehirn und Muskelgewebe verantwortlich sind. Andere

30 Kombinationen von Proteinen führen dagegen nicht zu einer Bindung an diese Endothelzellen. Überraschenderweise sind diese spezifischen Kombinationen interindividuell konstant und weisen immer dieselben Bindungsfunktionen auf. Es scheint sich folglich bei den spezifischen Proteinkombinationsmustern um einen interindividuellen konstanten Lymphozyten Bindungs-

35 Code der Zelloberfläche für organspezifische Endothelzelloberflächen zu handeln, der eine zellspezifische Zielstruktur darstellt. Zellspezifische Zielstrukturen können folglich ganz spezifische Proteinkombinationsmuster aufweisen.

35

Auch invasive Tumorzellen verfügen über spezifische Proteinkombinationsmuster an ihren Zelloberflächen, die zu einem gezielten, d.h. organselektiven Invasionsverhalten führen. Solche Proteinkombinationsmuster stellen daher Zielstrukturen für mögliche Arzneimittel da.



BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND

USN 09/808,225
WEINGARTEN SCHURGIN
GAGNEBIN & HAYES LLP
H55-016XX



RECEIVED

JUN 15 2001

TECH CENTER 1600/2900

Prioritätsbescheinigung über die Einreichung einer Patentanmeldung

Aktenzeichen: 100 14 708.9
Anmeldetag: 24. März 2000
Anmelder/Inhaber: Dr. Walter Schubert,
Biederitz/DE
Bezeichnung: Verfahren zur Identifizierung und Anreicherung
von zellspezifischen Zielstrukturen
IPC: C 12 Q 1/04

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

München, den 29. März 2001
Deutsches Patent- und Markenamt
Der Präsident
Im Auftrag

Jerofsky

Unbedingte Voraussetzung für die Entwicklung solcher hoch-selektiver Arzneimittel ist jedoch die Kenntnis der molekularen Zusammensetzung dieser Zielstrukturen.

Aus dem Stand der Technik sind Verfahren zur Identifizierung von Zielstrukturen bekannt, die auf der Analyse von Gen-Expressionsprofilen von kranken Geweben oder Zellen im Vergleich zu Gen-Expressionsprofilen von gesunden Geweben oder Zellen beruhen, wobei sowohl Proteinexpressionsprofile als auch Expressionsprofile der Messenger Ribonukleinsäure (mRNA) Aufschluß über das Auftreten neuer Proteine, fehlregulierter oder abnorm modifizierter Proteine in kranken Geweben oder Zellen geben sollen (z.B. in: F. Lottspeich/H.Zorbas; Bioanalytik; Spektrum Akademischer Verlag; Heidelberg, 1998).

Diese Verfahren gehen jedoch alle von Zellhomogenaten aus, denen in der Regel Tausende oder Millionen von Zellen zugrunde liegen, da nur mit Hilfe dieser Zellmengen Expressionsprofile der oben genannten Art erstellt werden können. In den Zellhomogenaten liegen die Zellen in aufgeschlossener Form vor, damit die Proteine oder mRNA-Moleküle mit Hilfe biochemischer Verfahren extrahiert und getrennt werden können.

Diese bekannten Verfahren sind nicht dazu geeignet, Proteinkombinationsmuster zu identifizieren, da die einzelnen Proteinkomponenten eines solchen Proteinkombinationsmusters durch die Erzeugung von Zellhomogenaten und durch die darauffolgenden Extraktionsvorgänge vollständig getrennt werden und die wesentliche Information bezüglich ihrer zell- und gewebe-topologischen Lage verloren geht. Durch die Zerstörung der Zellkompartimente können weiterhin keine Informationen bezüglich der Kombinationen von Proteinen innerhalb dieser Zellkompartimente und ihre relative topologische Beziehung zueinander gewonnen werden.

Ein weiterer Nachteil der bekannten Verfahren besteht darin, daß die Präparationsschritte des Gewebes oder der Zellen von ihrer Entnahme oder Gewinnung bis zum Schritt der Isolierung bzw. Auftrennung von Proteinen einer großen Zahl von variablen externen Einflüssen unterliegen können, die nur schwer kontrollierbar und zu vereinheitlichen sind.

Ein weiterer Nachteil der bekannten Verfahren ist außerdem, daß keine Analytik auf dem Einzelzellniveau durchführbar ist, so daß Unterschiede der einzelnen Zellen bezüglich ihrer Proteinkombinationsmuster nicht erfaßbar sind. Außerdem können Proteine, die nur in geringer Menge vorliegen, durch die bekannten Verfahren nicht detektiert werden. Dies betrifft

insbesondere Proteine oder spezifische Proteinkombinationen, die beispielsweise nur in wenigen, jedoch pathogenen, krankheitsspezifischen Zellen vorkommen.

Aufgabe der Erfindung ist es daher ein Verfahren der oben genannten Art bereitzustellen, durch
5 das zellspezifische Proteinkombinationsmuster identifiziert und angereichert werden können und durch das die aufgeführten Nachteile des Stands der Technik überwunden werden.

Diese Aufgabe wird gelöst durch ein erfindungsgemäßes Verfahren zur Identifizierung und Anreicherung von zellspezifischen Zielstrukturen, insbesondere zur Identifikation zellspezi-
10 fischer Proteinkombinationsmuster auf der Oberfläche von Zellen und zur Anreicherung dieser Zellen mit den Merkmalen des Anspruchs 1.

Vorteilhafte Ausgestaltungen des erfindungsgemäßen Verfahrens sind in den Unteransprüchen beschrieben.

15 Bei einem findungsgemäßen Verfahren zur Identifizierung und Anreicherung von zellspezifischen Zielstrukturen, insbesondere zur Identifikation zellspezifischer Proteinkombinationsmuster auf der Oberfläche von Zellen und zur Anreicherung dieser Zellen, umfaßt die Verfahrensschritte (a) Aufbringen eines heterogenen Zellgemisches auf eine oder mehrere
20 Oberflächen mit vordefinierten Strukturen, wobei Zellen mit entsprechenden Zielstrukturen an die Oberfläche oder die Oberflächen gebunden werden; (b) Abführen der nicht-bindenden Zellen des Zellgemisches von der oder den Oberflächen; (c) Identifizierung der zellspezifischen Zielstrukturen, die für die Bindung der Zellen an der oder den Oberflächen verantwortlich sind;
25 (d) Auswahl und Anreicherung von Zellen mit identischen zellspezifischen Zielstrukturen auf der oder den Oberflächen; und (e) biochemische Charakterisierung der gemäß Verfahrensschritt (d) ausgewählten Zielstrukturen. Dadurch ist es möglich, daß diejenigen zellspezifischen Zielstrukturen, insbesondere Proteinkombinationen der Oberfläche von Zellen, identifiziert werden können, die für die Bindung an vordefinierte Strukturen verantwortlich sind. Zudem können diese zellspezifischen Zielstrukturen wie z.B. einheitliche Zelloberflächen angereichert
30 werden, um sie dann biochemischen Analyseverfahren zuzuführen. So können Proteine, die nur in ursächlich nur in geringer Menge vorliegen angereichert werden und analysiert werden. Dies betrifft insbesondere Proteine oder spezifische Proteinkombinationen, die beispielsweise nur in wenigen, jedoch pathogenen, krankheitsspezifischen Zellen vorkommen. Auf diese Weise werden also Zellen ein- und desselben Funktionstyps in Bezug auf hochselektive Bindung für

weitergehende Analysen des von ihnen exprimierten Proteoms bereitgestellt. Vorteilhafterweise erfolgt die biochemische Charakterisierung der ausgewählten und angereicherten Zielstrukturen gemäß Verfahrensschritt e) mittels eines Molekül- oder Molekülkomplextrennverfahrens, wie z.B. eines Proteintrennverfahrens, insbesondere eine 2D-Gel-Elektrophorese.

5

Ein Ausführungsbeispiel für die Durchführung der Verfahrensschritte (a) bis (b) der Erfindung beinhaltet folgendes Teilverfahren: 1) Ein- bzw. Aufbringen des flüssigen, heterogenen Zellgemisches in einen Kanal einer Analysevorrichtung und auf einen Objektträger mit einer fixierten, eine vordefinierte Struktur enthaltene Oberfläche; 2) Entfernung der nicht-bindenden Zellen über eine Kanalöffnung des Kanals und Auffangen dieses Materials in einem Gefäß; 3) Kühlung des Objektträgers durch einen Objektträger-Thermostat, und 4) Fixierung der auf dem Objektträger gebundenen Zellen.

In einer vorteilhaften Ausgestaltung des erfindungsgemäßen Verfahrens wird das heterogene Zellgemisch aus menschlichen oder tierischen Gewebe oder menschlichen oder tierischen Körperflüssigkeiten isoliert oder es sind angezüchtete Zellen und die Oberfläche ist ein menschlicher oder tierischer Gewebeschnitt und/oder Endothelzellen und/oder Proteinchips und/oder ein angezüchtetes menschliches oder tierisches Gewebestück. Dadurch ist eine rasche und zielsichere Identifikation der zellspezifischen Zielstrukturen für die Entwicklung von Arzneimitteln gewährleistet.

In einer weiteren vorteilhaften Ausgestaltung des erfindungsgemäßen Verfahrens wird die Identifizierung der zellspezifischen Zielstrukturen mit einem Verfahren durchgeführt wird, daß folgende Schritte umfaßt: (I) Automatisiertes Aufbringen einer Reagenzlösung Y1, die mindestens ein Markiermolekül aufweist, auf die zellspezifische Zielstruktur; (II) Einwirken der Reagenzlösung Y1 und automatisierte Detektion mindestens eines Markierungsmusters der mit der Reagenzlösung Y1 markierten Zielstruktur; (III) Entfernen der Reagenzlösung Y1 vor oder nach der Detektion des Markierungsmusters und Wiederholung der Schritte (I) und (II) mit weiteren Reagenzlösungen Yn ($n = 2, 3 \dots N$), die jeweils das mindestens eine Markiermolekül und/oder mindestens ein anderes Markiermolekül aufweisen; und (IV) Zusammenfassen der jeweils in Schritt II) detektierten Markierungsmuster zu einem komplexen molekularen Kombinationsmuster der zellspezifischen Zielstruktur. Mit diesem Identifikationsverfahren ist eine schnelle und zielsichere Identifikation von zellspezifischen Zielstrukturen wie z.B. Proteinkombinationsmuster auf Zelloberflächen gewährleistet.

In einer weiteren vorteilhaften Ausgestaltung des erfindungsgemäßen Verfahrens wird nach dem Verfahrensschritt (d) folgender Verfahrensschritt durchgeführt: (d1) Durchführung von Inhibitionsexperimenten bezüglich eines oder mehrerer Bestandteile der in Verfahrensschritt (d) ausgewählten zellspezifischen Zielstrukturen zur Erkennung einer Bindungshierarchie der Bestandteile, wobei die Bestandteile einzelne oder mehrere Proteine eines zellspezifischen Proteinkombinationsmusters sind. Dadurch kann ermittelt werden, welche Proteine diese selektive Bindung in der Proteinhierarchie besonders relevant sind und welche nicht. Relevante Proteine sind Targets für die Entwicklung hoch-selektiver Arzneimittel.

In einer weiteren vorteilhaften Ausgestaltung des erfindungsgemäßen Verfahrens werden anstelle von Verfahrensschritt (e) folgende Verfahrensschritte durchgeführt: (f) Automatisiertes Aufbringen einer Reagenzlösung Y1, die mindestens ein Markiermolekül aufweist, auf die ausgewählte und angereicherte zellspezifische Zielstruktur; (g) Einwirken der Reagenzlösung Y1 und automatisierte Detektion mindestens eines Markierungsmusters der mit der Reagenzlösung Y1 markierten Zielstruktur; (h) Entfernen der Reagenzlösung Y1 vor oder nach der Detektion des Markierungsmusters und Wiederholung der Schritte (f) und (g) mit weiteren Reagenzlösungen Yn ($n = 2, 3 \dots N$), die jeweils das mindestens eine Markiermolekül und/oder mindestens ein anderes Markiermolekül aufweisen; und (i) Zusammenfassen der jeweils in Schritt (g) detektierten Markierungsmuster zu einem komplexen molekularen Kombinationsmuster der ausgewählten und angereicherten zellspezifischen Zielstruktur. Erfindungsgemäß angereicherte und ausgewählte Zellen desselben Typs erlauben es nunmehr, daß mit Hilfe der Verfahrensschritte (f) bis (i) die zellspezifischen Zielstrukturen noch wesentlich genauer untersucht werden können.

Zusammenfassend ermöglicht es das erfindungsgemäße Verfahren, daß unter anderem für die Arzneimittelentwicklung relevante valide Zielstrukturen effizient gefunden werden können, indem biologische Selektivitätsmechanismen für die Identifikation von Zielstrukturen zugrunde gelegt werden.

5

**Verfahren zur Identifizierung und Anreicherung
von zellspezifischen Zielstrukturen**

10

ANSPRÜCHE:

15 1. Verfahren zur Identifizierung und Anreicherung von zellspezifischen Zielstrukturen, insbesondere zur Identifikation zellspezifischer Proteinkombinationsmuster auf der Oberfläche von Zellen und zur Anreicherung dieser Zellen, wobei das Verfahren folgende Schritte umfaßt:

20 a) Aufbringen eines heterogenen Zellgemisches auf eine oder mehrere Oberflächen mit vordefinierten Strukturen, wobei Zellen mit entsprechenden Zielstrukturen an die Oberfläche oder die Oberflächen gebunden werden;

b) Abführen der nicht-bindenden Zellen des Zellgemisches von der oder den Oberflächen;

25 c) Identifizierung der zellspezifischen Zielstrukturen, die für die Bindung der Zellen an der oder den Oberflächen verantwortlich sind;

d) Auswahl und Anreicherung von Zellen mit identischen zellspezifischen Zielstrukturen auf der oder den Oberflächen; und

30 e) biochemische Charakterisierung der gemäß Verfahrensschritt d) ausgewählten Zielstrukturen.

30

2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß das heterogene Zellgemisch aus menschlichen oder tierischen Gewebe oder menschlichen oder tierischen Körperflüssigkeiten isoliert wird oder angezüchtete Zellen sind.

35

3. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet,

daß die Oberfläche ein menschlicher oder tierischer Gewebeschnitt und/oder Endothelzellen und/oder Proteinchip und/oder ein angezüchtetes menschliches oder tierisches Gewebestück ist.

- 5 4. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche,
dadurch gekennzeichnet,
daß die Identifizierung der zellspezifischen Zielstrukturen mit einem Verfahren durchgeführt wird, daß folgende Schritte umfaßt:
 - 10 I) Automatisiertes Aufbringen einer Reagenzlösung Y1, die mindestens ein Markiermolekül aufweist, auf die zellspezifische Zielstruktur;
 - II) Einwirken der Reagenzlösung Y1 und automatisierte Detektion mindestens eines Markierungsmusters der mit der Reagenzlösung Y1 markierten Zielstruktur;
 - 15 III) Entfernen der Reagenzlösung Y1 vor oder nach der Detektion des Markierungsmusters und Wiederholung der Schritte I) und II) mit weiteren Reagenzlösungen Yn (n= 2, 3...N), die jeweils das mindestens eine Markiermolekül und/oder mindestens ein anderes Markiermolekül aufweisen; und
 - 20 IV) Zusammenfassen der jeweils in Schritt II) detektierten Markierungsmuster zu einem komplexen molekularen Kombinationsmuster der zellspezifischen Zielstruktur.
- 25 5. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche,
dadurch gekennzeichnet,
daß die biochemische Charakterisierung der ausgewählten Zielstrukturen gemäß Verfahrensschritt e) mittels eines Molekül- oder Molekülkomplextrennverfahrens, insbesondere Proteintrennverfahrens, erfolgt.
- 30 6. Verfahren nach Anspruch 5,
dadurch gekennzeichnet,
daß das Proteintrennverfahren eine 2D-Gel-Elektrophorese ist.
7. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche,

dadurch gekennzeichnet,

daß nach dem Verfahrensschritt d) folgender Verfahrensschritt durchgeführt wird:

- 5 d1) Durchführung von Inhibitionsexperimenten bezüglich eines oder mehrerer Bestandteile der in Verfahrensschritt d) ausgewählten zellspezifischen Zielstrukturen zur Erkennung einer Bindungshierarchie der Bestandteile.

8. Verfahren nach Anspruch 8,
dadurch gekennzeichnet,

10 daß die Bestandteile einzelne oder mehrere Proteine eines zellspezifischen Proteinkombinationsmusters sind.

9. Verfahren nach Anspruch 1,
dadurch gekennzeichnet,

15 daß anstelle von Verfahrensschritt e) folgende Verfahrensschritte durchgeführt werden:

- f) Automatisiertes Aufbringen einer Reagenzlösung Y1, die mindestens ein Markiermolekül aufweist, auf die ausgewählte und angereicherte zellspezifische Zielstruktur;

20

- g) Einwirken der Reagenzlösung Y1 und automatisierte Detektion mindestens eines Markierungsmusters der mit der Reagenzlösung Y1 markierten Zielstruktur;

- h) Entfernen der Reagenzlösung Y1 vor oder nach der Detektion des Markierungsmusters und Wiederholung der Schritte f) und g) mit weiteren Reagenzlösungen Yn ($n = 2, 3 \dots N$), die jeweils das mindestens eine Markiermolekül und/oder mindestens ein anderes Markiermolekül aufweisen; und

25

- i) Zusammenfassen der jeweils in Schritt g) detektierten Markierungsmuster zu einem komplexen molekularen Kombinationsmuster der ausgewählten und angereicherten zellspezifischen Zielstruktur.

30

Dr. Walter Schubert
Deutsche Patentanmeldung

Anwaltsakte: 25469

5

**Verfahren zur Identifizierung und Anreicherung
von zellspezifischen Zielstrukturen**

10

ZUSAMMENFASSUNG:

15 Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Identifizierung und Anreicherung von zellspezifischen Zielstrukturen, insbesondere zur Identifikation zellspezifischer Proteinkombinationsmuster auf der Oberfläche von Zellen und zur Anreicherung dieser Zellen, wobei das Verfahren folgende Schritte umfaßt:

- 20 a) Aufbringen eines heterogenen Zellgemisches auf eine oder mehrere Oberflächen mit vordefinierten Strukturen, wobei Zellen mit entsprechenden Zielstrukturen an die Oberfläche oder die Oberflächen gebunden werden;
- b) Abführen der nicht-bindenden Zellen des Zellgemisches von der oder den Oberflächen;
- c) Identifizierung der zellspezifischen Zielstrukturen, die für die Bindung der Zellen an der
- 25 oder den Oberflächen verantwortlich sind;
- d) Auswahl und Anreicherung von Zellen mit identischen zellspezifischen Zielstrukturen auf der oder den Oberflächen; und
- e) biochemische Charakterisierung der gemäß Verfahrensschritt d) ausgewählten Zielstrukturen.

30